

[illegible]

TPVgp38aa 26 25 (SEQ ID NO: 1)  
Yabagp38 50 SYNHETKRGNVN 61 (SEQ ID NO: 2)

## FIGURE 2

YMTV partial gp38 gene (183 nucleotide):

5'  
ATGAATAAGTTAATTTTATCGTTGTTGGGTTTTGTGGCAACTTGCAATTGTATAACCTTAAGATATAATTATACCGTTA  
CGGTAAAGAATGGATTATACGACGGGGTATTTTTTGATTATTACAACGATCAGTTAGTAACGAGGATATCATATAATCA  
TGAAACCAAACGAGGAAATGTAAAT (SEQ ID NO: 3)

YMTV partial gp38 gene (61 amino acid):

5'  
MNKLILSLLGFVATCNCITLRYNYTVTVKNGLYDGVFFDYNDQLVTRISYNHETKRGVN (SEQ ID NO: 2)

007506.104.4

SEQ ID NO: 4

MNKLILFSTIVAVCNCITLKYNITVTLKDNGLYDGVFYDHYNDQLVTKISYNHETRHGNVNFRADWFKIS  
RSPHTPGNDYNFNFWYSLMKETLEEINKNDSTKTTSLITGCIYETGLLFGSYGYVETANGPLARYHTGD  
KRFTKMTHKGFPKVGMLTVKNTLWKDVKTYLGGFEYMGCSLAILDYQKMAKGEIPKDTTPTVKVTGNELE  
DGNMTLECSVNSFYPPDVITKWIESEHFKEGYKYVNGRYYPEWGRKSDYEPGEPGFWNKKDKDANTYS  
LTDLVRTTSKMSSQLVCVVFHDTLEAQVYTCSGCGNGELYDHLRYKTEEGEGEGEED\*

**FIG. 3**

FIG. 3 of 309,466

SEQ ID NO: 5

Tana gp38:

AAGCTTCATGAATAAGTTAATATTATTTAGCACAATTGTAGCAGTTTGTA  
ACTGCATAACTTTAAAATATAATTATACTGTTACGTTAAAAGATAATGGGTTATAC  
GATGGAGTATTTTACGATCATTACAACGATCAGTTAGTAACGAAAATATCAT  
ATAACCACGAACTAGACACGGAAACGTAAATTTTAGGGCTGATTGGTTTAA  
TATTTCTAGGAGTCCCCACACGCCAGGTAACGATTACAACCTTAACTTTTGGT  
ATTCTTTAATGAAAGAACTTTAGAAGAAATTAATAAAAACGATAGCACAAA  
AACTACTTCGCTTTCATTAATCACTGGGTGTTATGAAACAGGATTATTATTTG  
GTAGTTATGGGTATGTAGAAACGGCCAACGGACCGTTGGCCAGATACCATAC  
AGGAGATAAAAGGTTTACGAAAATGACACATAAAGGTTTTCCCAAGGTTGGA  
ATGTTAACTGTAAAAAACACTCTTTGGAAAGATGTAAAAACTTATCTAGGCG  
GTTTTGAATACATGGGATGTTTATTAGCTATTTTAGATTACCAAAAAATGGCT  
AAAGGTGAAATACCAAAAGATACAACACCTACAGTGAAAGTAACGGGTAAT  
GAGTTAGAAGATGGTAACATGACTCTTGAATGCAGTGTAATTCATTTTACCC  
TCCTGACGTAATTACTAAGTGGATAGAAAGCGAACATTTTAAAGGTGAATAT  
AAATATGTTAACGGAAGATACTATCCAGAATGGGGGAGAAAATCCGATTATG  
AGCCAGGAGAGCCAGGTTTTCCATGGAATATTAATAAAAGATAAAGATGCAA  
ACACATATAGTTTAAACAGATTTAGTACGTACAACATCAAAAATGAGTAGTCA  
ACTAGTATGTGTTGTTTTCCATGACACTTTAGAAGCGCAAGTTTATACTTGTT  
CTGAAGGATGCAATGGAGAGCTATACGACCACCTATATAGAAAAACAGA  
AGAAGGAGAAGGTGAAGAGGATGAAGAAGACGGAAACCCTCGAG

FIG. 4

SEQ ID NO: 6

MDKLLLFSTIVAVCNCITLKYNITVTLKDDGLYDGVFYDHYNDQLVTKISYNHETRHGNVNFADWFNIS  
RSPHTPGNDYNFNFWYSLMKETLEEINKNDSTKTTSLITGCEYTGLLFGSYGYVETANGPLARYHTGD  
KRFTKMTHKGFPKVGMLTVKNTLWKDVKAYLGGFEYMGCSLAILDYQKMAKGKIPKDTTPTVKVTGNELE  
DGNMTLECTVNSFYPPDVITKWIESEHFKEGYKYVNGRYYPEWGRKSNYEPGEPGFWNKKDKDANTYS  
LTDLVRTTSKMSSQPVVVFHDTLEAQVYTCSEGCNGELYDHLRYRKTTEEGERGEDEED\*

## FIG. 5

09976605-101101

*Chrysomelidae*

ATGGATAAGTTACTATTATTTAGCACAAATTGTAGCAGTTTGTAACTGCATAAC  
TTTAAAATATAATTATACTGTTACGTTAAAAGATGATGGGTATACGATGGAG  
TATTTTACGATCATTACAACGATCAGTTAGTGACGAAAATATCATATAACCAT  
GAAACTAGACACGGAAACGTAAATTTTAGGGCTGATTGGTTTAATATTTCTA  
GGAGTCCCCACACGCCAGGTAACGATTATAACTTTAACTTTTGGTATTCTTTA  
ATGAAAGAACTTTAGAAGAAATTAATAAAAAACGATAGCACAAAACTACTT  
CGCTTTCATTAATCACTGGGTGTTATGAAACAGGATTATTATTTGGTAGTTAT  
GGGTATGTAGAAACGGCCAACGGGCCGTTGGCCAGATACCATACAGGAGAT  
AAAAGGTTTACGAAAATGACACATAAAGGTTTTCCCAAGGTTGGAATGTAA  
CTGTAAAAAACACTCTTTGGAAAGATGTAAAAGCTTATTTAGGCGGTTTTGA  
ATATATGGGATGTTTCATTAGCTATTTTAGATTACCAAAAAATGGCTAAAGGTA  
AAATACCAAAAGATACAACACCTACAGTGAAAGTAACGGGTAATGAGTTAG  
AAGATGGTAACATGACTCTTGAATGCACTGTAAATTCATTTTACCCTCCTGAC  
GTAATTACTAAGTGATAGAAAGCGAACATTTTAAAGGTGAATATAAATATG  
TTAACGGAAGATACTATCCAGAATGGGGGAGAAAATCCAATTATGAGCCAGG  
AGAGCCAGGTTTTCCATGGAATATCAAAAAAGATAAAGATGCAAATACATAT  
AGTTTAACAGATTTAGTACGTACAACATCAAAAATGAGTAGTCAACCAGTAT  
GTGTTGTTTTCCATGACACTTTAGAAGCGCAAGTTTATACTTGTTCTGAAGGA  
TGCAATGGAGAGCTATACGATCACCTATATAGAAAAACAGAAGAAGGG  
GAAGGTGAAGAGGATGAAGAAGACTGA

FIG. 6

MITKAIIVILSIITAYVDASAFVLVYNYTYTLQDDNHRYDFEVTDYFNDILIKRLKLNSETGRPELRNEPPT  
WFNETKIRYPKNNYNFMFWLNRMSSETLDEINKLPETSNPKYKTMSTLTIGCTDLRQLQVNFYVTVGGNIW  
TRFDPKNKRFSKVRSTFTFPKVGSMLTVKSQHWERWMEHLGSMVTLCTPFTADDDYYKISKGYIDKPKVKPTVT  
VTGIERGDNTTLICTFDNHWYSSVAVKWYNIEDFAPDYRDYPVNNELLPTDYLPGEGPYPTITRRLGDK  
YLFTSSPRVMVPTIMSNRIACVGFHSTLEPSIYRCVNCSGPEPVLQYQGDRRNDLEED

**FIG. 7**

[illegible]

SEQ ID NO: 9

Swinepox CIL

ATGATTACTAAAGCGATTGTGATATTGTCTATTATTACAGCATATGTAGATGC  
TTCCGCATTCTTAGTATACAATTATACATATACTTTACAAGATGATAATCATC  
GATATGACTTCGAAGTCACCGATTATTTTAATGATATACTAATAAAACGTTTA  
AAACTAAATAGCGAGACAGGAAGACCAGAATTAAGAAATGAACCACCAACA  
TGGTTTAATGAGACTAAGATTAGATATTATCCGAAAAATAATTATAATTTTAT  
GTTCTGGCTAAATAGAATGAGTGAAACGCTAGATGAGATAAATAAACTTCCA  
GAAACGAGTAATCCTTACAAGACTATGTCCTTGACAATTGGATGTACTGATCT  
AAGACAACCTCAAGTAAATTTTCGGTTATGTTACTGTAGGTGGTAATATATGGA  
CACGATTTCGACCCCAAGAATAAACGCTTTAGTAAAGTTAGATCACGTACATT  
TCCAAAGGTAGGAATGTAACTGTAAATCACAACTGGGAACGTGTTATG  
GAACATCTTGGATCAATGGTAACATTAAACATGTCCGTTTACAGCGGATGATTA  
TTATAAAATTTCTAAGGGATATATAGATAAGCCAGTTAAGCCTACTGTTACAG  
TTACAGGAATTGAAAGAGGAGATAATACTACATTGATATGCACATTTGATAA  
TCATTATCCGTCGTCGGTCGCTGTAAATGGTATAACATCGAGGACTTTGCTC  
CGGACTATCGTTATGATCCGTACGTAAATGAATTGCTTCCTGATACGGACTAT  
CTACCGGGTGAACCAGGATATCCGACTATAACTAGGAGATTAGGTGATAAAT  
ATTTATTTACATCATCACCTAGGGTTATGGTACCAACTATCATGTCTAATAGA  
ATAGCATGTGTTGGATTTCATAGTACGTTAGAACCAAGCATATATAGATGTGT  
AAACTGCTCGGGACCTGAGCCTGTTTTACAATACCAGGGAGAT  
AGAAGGAATGACTTGGAGGATGAGGAGGATTAA

FIG. 8

FIG. 8



# ClustalW Formatted Alignments

TPV gp38 26aa (peptide)  
 TPV gp38  
 YLDV gp38  
 YMDV gp38  
 SPV\_C1L

```

10      20      30      40      50      60
M N K L L L F S T I V A V C N C I T L K Y C Y T V T L K D N G L Y D G V F Y C H Y N Q L V T K I S Y N H E T
M D K L L L F S T I V A V C N C I T L K Y N Y T V T L K D D G L Y D G V F Y D H Y N D Q L V T K I S Y N H E T
M N K L L L S L L G F V A T C N C I T L R Y N Y T V T V K N G L Y D G V F Y D Y N D Q L V T R I S Y N H E T
M I T K A I V I L S I I T A Y V D A S A F L V Y N Y T Y T L Q D D N H R Y D F E V T D Y F I N D I L I K R L K L N S E T G
    
```

TPV gp38 26aa (peptide)  
 TPV gp38  
 YLDV gp38  
 YMDV gp38  
 SPV\_C1L

```

70      80      90      100     110     120
R H G N V N F R A D W F K I S R S P H T P G N D Y N F N F W Y S L M K E T L E E I N K N D S T K T T S L S L I T G C
R H G N V N F R A D W F N I S R S P H T P G N D Y N F N F W Y S L M K E T L E E I N K N D S T K T T S L S L I T G C
R H G N V N S R A S W F D I S K S P H T P G D D Y H F N F W Y P L M K D T L E S I N S N K N E S D K C S S L S L I L G C
R P E L R N E P P T W F N E T K I R Y Y P K N N Y N F M F W L N R M S E T L D E I N K L P E T S N P Y K T M S L I G C
    
```

TPV gp38 26aa (peptide)  
 TPV gp38  
 YLDV gp38  
 YMDV gp38  
 SPV\_C1L

```

130     140     150     160     170     180
Y E T G L L F G S Y G Y V E T A N G P L A R Y H T G D K R F T K M T H K G F P K V G M L T V K N T L W K D V K T Y L G G
Y E T G L L F G S Y G Y V E T A N G P L A R Y H T G D K R F T K M T H K G F P K V G M L T V K N T L W K D V K T Y L G G
Y E T G S L F G S Y G Y V E S G G P L A R Y S T K D K K F L K M T D K G F P K V G M L T V H G P S W Q T V K K Y V G G
T D L R Q L Q V N F I G Y V T V G N I W T R F D P K N K R F S K V R S R T F P K V G M L T V K S Q H W E R Y M E H L G S
    
```

TPV gp38 26aa (peptide)  
 TPV gp38  
 YLDV gp38  
 YMDV gp38  
 SPV\_C1L

```

190     200     210     220     230     240
F E Y M G C S L A I L D Y Q K M A K G E I P K D T T P T V K V T G N E L E D G N M T L E C I S V N S F Y P P D V I T K W I
F E Y M G C S L A I L D Y Q K M A K G E I P K D T T P T V K V T G N E L E D G N M T L E C I S V N S F Y P P D V I T K W I
F V Y A G C L L A I L D Y Q K M A K G E I P S N V M P T V T V T G E L Q D G N T T L K C N V K S F Y P P D V I T K W I
M V T L T C P F T A D D Y Y K I S K G Y L D K P V K P T V T G I E R G D N T T L I C I F D N H Y P S S V A V K W Y
    
```

TPV gp38 26aa (peptide)  
 TPV gp38  
 YLDV gp38  
 YMDV gp38  
 SPV\_C1L

```

250     260     270     280     290     300
E S E H F K G E Y K Y V N G R Y Y P E W G R K S D Y E P G E P G F P W N I K K D K D A N T Y S L T D L V R T T S K M S S
E S E H F K G E Y K Y V N G R Y Y P E W G R K S D Y E P G E P G F P W N I K K D K D A N T Y S L T D L V R T T S K M S S
E S K Y F N G E Y R Y V N G R Y Y P E W G R Q S D Y E P G E P G F P L H P K K D D G K T Y S L D F G R T T S G L T S
N I E D F A P D Y R Y D P . . Y V N E L L P D T D Y L P G E P G Y P T I T R R L C G D K Y L F T S S P R V M V P T I M S N
    
```

TPV gp38 26aa (peptide)  
 TPV gp38  
 YLDV gp38  
 YMDV gp38  
 SPV\_C1L

```

310     320     330     340     350     360
Q L V C V V F H D T L E A Q V Y T C S E G C N G E L Y D H L Y R K T E E G E G E E D E E D
Q L V C V V F H D T L E A Q V Y T C S E G C N G E L Y D H L Y R K T E E G E G E E D E E D
Q L V C V V F H D T F E S Q V N T C S E G C E G K L Y D H L Y R K S E E G D E V V E D E E D
R I A C V G F H S T L E P S I Y R C V N C S G P E P V L Q Y Q G D R R N . . D L E D E E D
    
```

FIG. 9